



## **ECOLE CHERCHEUR 2BIP : Bioinformatique et Biotechnologie des Plantes et des interactions biotiques**

***ENSA – El Harrach, Alger  
17-21 Novembre 2018***

### **Objectifs**

Cette formation a comme objectif général de développer les compétences théoriques et pratiques nécessaires à l'analyse des données des génomes des plantes et des microorganismes fort utiles pour la réalisation d'expérimentations en biotechnologies végétales. Cette formation s'adresse aux doctorants, jeunes enseignants-chercheurs et ingénieurs de l'ENSA. Les objectifs spécifiques sont d'initier le personnel scientifique aux approches utilisées pour caractériser les fonctions des gènes et analyser par traitement informatique les données de séquences d'ADN et de protéines. Cela permettra d'une part, de réaliser des expériences en biologie moléculaire nécessaires à l'étude des gènes d'intérêt agronomique et d'autre part, de s'initier aux outils de bioinformatique, discipline aujourd'hui incontournable pour répondre aux besoins de la biologie et des biotechnologies.

***Avec le soutien de :***



## Programme Ecole chercheur 2BIP\_ Version 1

Samedi 17/11	Dimanche 18/11	Lundi 19/11	Mardi 20/11	Mercredi 21/11
<p><b>09h00-09h30</b> <i>Accueil des participants</i> <i>Présentation de la formation</i></p> <p><b>10h00-11h00</b> <b>Cours/ H. Gherbi</b> <i>Les nouvelles technologies de séquençage et leurs applications</i></p> <p><b>11h00-12h30</b> <b>Cours/ H. Gherbi</b> <i>Gènes, génomique et outils d'exploration fonctionnelle</i> <i>La transgène végétale et OGM</i></p>	<p><b>08h45-10h15</b> <b>Cours / M. Ainouche</b> <i>Apports des données de séquençage à la compréhension de la dynamique évolutive des génomes végétaux</i></p> <p><b>10H30-12H15</b> <b>Cours/ A. Ainouche, M. Ainouche, A. Salmon</b> <i>A. Introduction à la phylogénie.</i> <i>B. Reconstruction phylogénétique</i> <i>B1. Méthodes phénétiques (UPGMA, NJ)</i> <i>B2. Méthode du Maximum de Parcimonie (MP)</i></p>	<p><b>08h45-10h15</b> <b>Cours/ M. Ainouche, A. Salmon</b> <i>- Evolution moléculaire</i> <i>- Reconstruction phylogénétique (suite)</i> <i>B3. Méthode du Maximum de Vraisemblance (ML)</i></p> <p><b>10h30-12h15</b> <b>Cours/ A. Salmon</b> <i>Données transcriptomiques/Approche RNA seq : séquençage, assemblage et annotation des gènes, mesure de l'expression différentielle</i></p>	<p><b>Fête du Mawlid Ennabaoui</b></p>	<p><b>8h45-10h00</b> <b>Cours/ H. Gherbi</b> <i>Le dialogue moléculaire plantes-microorganismes : cas des interactions symbiotiques</i></p> <p><b>10h00-11h30</b> <b>Cours/A. Ainouche</b> <i>Diversité et évolution des gènes dupliqués : exemple des gènes impliqués dans l'association symbiotique plantes-bactéries fixatrices d'azote 1</i></p> <p><b>11h30-12h30</b> <b>Table ronde :</b> <i>Discussion avec les participants</i> <i>Conclusions</i> <b>Clôture</b></p>
<p><b>13h30-17h30</b> <b>Atelier 1/ H. Gherbi, A. Ainouche, M. Ainouche</b> <i>Initiation à l'utilisation des bases de données génomiques</i> <i>- Les bases de données : NCBI / Genbank</i> <i>- Interroger bases de données, utiliser Blast.</i> <i>-Récupérer et comparer des séquences (format, alignement simple, caractérisation, annotations via blast)</i> <i>- Désigner des amorces : exercice / amplification – séquençage (lecture chromatogramme).</i></p>	<p><b>13h30-17h30</b> <b>Atelier 2/ A. Ainouche, M. Ainouche, H. Gherbi, Armel Salmon,</b> <i>Initiation à l'utilisation des bases de données génomiques (suite) :</i> <i>-Utilisation de Phytozome (DB de Génomes disponibles) : Recherche et récupération.</i> <i>-Exemples sites dédiés à des Projets génomiques spécifiques.</i></p> <p><i>Traitement et analyse des données</i> <i>- construction de matrices de séquences ;</i> <i>- Outils d'alignements simples, Multiples (Clustal, Muscle, MAFT .....);</i> <i>- Analyse des données : distances ; taux de divergence ...</i> <i>- Analyse phénétiques (UPGMA, NJ)</i></p>	<p><b>13h30-14h15</b> <b>Conférence/ R. Duponnois</b> <i>Les ressources microbiennes des sols : des outils biologiques pour améliorer durablement la productivité des agrosystèmes</i></p> <p><b>14h15-17h30</b> <b>Atelier 3/ A. Ainouche, M. Ainouche, H. Gherbi</b> <i>A. Application des méthodes phylogénétiques MP et ML et comparaison des différentes méthodes.</i></p> <p><i>B. Les conflits phylogénétiques : sources d'information sur l'histoire des gènes, des génomes, et des organismes ;</i> <i>C. Exemples d'autres applications</i> <i>(identification, barcoding, classification, génomique environnementale, paléo-écologie, phylocom ...)</i></p>	<p><b>Fête du Mawlid Ennabaoui</b></p>	

### Intervenants :

**IRD Montpellier : Dr Hassen Gherbi, Dr Robin Duponnois - Université Rennes 1 : Dr Abdelkader Ainouche, Dr Armel Salmon, Pr Malika Ainouche**